

Db	601	GCATATCACCGATCATATTCACAAATGGAATGGTTGGAGGCTAAATACGTAATATTCGA	660
QY	3714	TATTCGAAAAGSAAAGTCCCTTCCTCGGTGGSAATTCCTACGTCAGTAGCTCTTCATTT	3773
Db	661	TATTCGAAAAGSAAAGTCCCTTCCTCGGTGGSAATTCCTACGTCAGTAGCTCTTCATTT	720
QY	3774	GGAGCTCTTGAGAAAGACTTCTCAGCGACATTAATCAGGAGAGTGGCAAAAGATTCCAA	3833
Db	721	GGAGCTCTTGAGAAAGACTTCTCAGCGACATTAATCAGGAGAGTGGCAAAAGATTCCAA	780
QY	3834	ATTTCGAGSAAAAACATATCTGSAAGSAGACTTCAGCGCTCTGGTGAATTTCGACAAAG	3893
Db	781	ATTTCGACAAAAAACATATCTGSAAGSAGACTTCAGCGCTCTGGTGAATTTCGACAAAG	840
QY	3894	ATTTTGAATCTTTAGCAGCCAGCTCATTTGGTCAAAAGAGCTGAAGGAAAGATCCAGGAT	3953
Db	841	GTTTATGATCTTTTCGACACAGCTCATTTGGTCAAAAGAGCTGAAGGAAAGATCCAGGAT	900
QY	3954	TCGCGAGTCCCTTCGGCCTCGGTGATGAGAGCTCCAAAGCGTGGGACAGCAGTGGATGGCC	4013
Db	901	TCGCGAGTCCCTTCGGCCTCGGTGATGAGAGCTCCAAAGCGTGGGACAGCAGTGGATGGCC	960
QY	4014	ATAAAAAAGGTGTGGGCTTCAAAATGGAATGAGAGAGCATACTTTCAGCACAAGSAGATG	4073
Db	961	ATAAAAAAGGTGTGGGCTTCAAAATGGAATGAGAGAGCATACTTTCAGCACAAGSAGATG	1020
QY	4074	AAACTGGATCATGACTATCTGTGCATGGCTGTCCCTTTGTTCAAGAAATTAATAATGCTGAT	4134
Db	1021	AAACTGGATCATGACTATCTGTGCATGGCTGTCCCTTTGTTCAAGAAATTAATAATGCTGAT	1080
QY	4134	TATCATATTTCATCTCAGACACCAACCACTCTCCGGAGAGCATCTCGAAATATATGCC	4193
Db	1081	TATCATATTTCATCTCAGACACCAACCACTCTCCGGAGAGCATCTCGAAATATATGCC	1140
QY	4194	GAGGTGGTCAGGGGCTCTGGGGSAAAGCATGCTTGGAGCTTACCCAGGAGTGGCTTGAGT	4253
Db	1141	GAGGTGGTCAGGGGCTCTGGGGSAAAGCATGCTTGGAGCTTACCCAGGAGTGGCTTGAGT	1200
QY	4254	TTTATCTCAGAAAAGAGATCTCAACTCTCTCAAGTCTTAGGTTACCCAGCAAACTG	4313
Db	1201	TTTATCTCAGAAAAGAGATCTCAACTCTCTCAAGTCTTAGGTTACCCAGCAAACTG	1260
QY	4314	ATCGGCTTTTCATAAAAAATCTATCATCTCTCCGATCTGATTTCCAAATGGGSAATTTG	4374
Db	1261	ATCGGCTTTTCATAAAAAATCTATCATCTCTCCGATCTGATTTCCAAATGGGSAATTTG	1320
QY	4374	GAGGTTTTCGCGGCTGGGCTCTACGACAGTGTCCCATGGATGATGAGAGSAAAAAGTT	4433
Db	1321	GAGGTTTTCGCGGCTGGGCTCTACGACAGTGTCCCATGGATGATGAGAGSAAAAAGTT	1380
QY	4434	GTAATGATTAAGTCTTCGAGCCCATTAATTAAGTATGATTAAGTCTTCGCGAGCAATCTCG	4493
Db	1381	GTAATGATTAAGTCTTCGAGCCCATTAATTAAGTATGATTAAGTCTTCGCGAGCAATCTCG	1440
QY	4494	TCCAAACATTGCTCTGCTGCGAGCATGCTATGAGGAGCTATATGGCTCTCTTAAGACATC	4553
Db	1441	TCCAAACATTGCTCTGCTGCGAGCATGCTATGAGGAGCTATATGGCTCTCTTAAGACATC	1500
QY	4554	GAGGCTGTAGTGAGSAGSATGAGAAATTTATGTGTTTCACACAAGACCTCAGATGGATCA	4613
Db	1501	GAGGCTGTAGTGAGSAGSATGAGAAATTTATGTGTTTCACACAAGACCTCAGATGGATCA	1560
QY	4614	TATTTCTGTTGATGTTTTCAGAGAAAGCAATAGATGTATCATATTTCTCATGGTATCA	4673
Db	1561	TATTTCTGTTGATGTTTTCAGAGAAAGCAATAGATGTATCATATTTCTCATGGTATCA	1620
QY	4674	GATCTGTACCACT-----TACCTCCATGAAAGTGGCTGTATGATTTATACGTATGC	4726
Db	1621	GATCTGTGTACCACTTACCTGATACCTCCATGAAAGTACTGTATGATTTATACGTATGC	1680
QY	4727	AAAGCATCACATCATGTTCACTTTCAGCTATTGGAGAGAAAGTGAAGTGAATTCG	4786

Db	1681	AAAGCCATCATCATCTCTCCCTCAGCTATGTGGAGGAGATGAGAAAGATGGATTC	1740
Qy	4787	AATATGAGGATATATAGAAAAAATTGTAGAAAGTTAAATTAGCTGGGATGATATAGG	4846
Db	1741	AATATGAGGATATATAGAAAAAATTGTAGAAAGTTAAATTAGCTGGGATGATATAGG	1800
Qy	4847	AGAAATGTGAACATTGTCTATATATGTATGATACACAGCATTAATGAT-TTCATTAT	4905
Db	1801	AGAAATGTGAACATTGTCTATATATGTATGATACACAGCATTAATGATTCATTAT	1866
Qy	4906	GCACATGATATATCGCAGCATCAAGAGAGAAATCCTTGAGTGGTTGAA	4956
Db	1861	GCATGATATATATCGCAGCATCAAGAGAGAAATCCTTGAGTGGTTGAA	1911

RESULT 9

~~AA230162~~ AA230162 standard; cDNA; 2080 BP

AC AA230162;

DT 26-JAN-2000 (first entry)

DE cDNA encoding a portion of the starch RI phosphorylation protein

Starch phosphorylation protein; starch degradation

max
xx
xx

XX	Key	Location/Qualifiers
XX		

FT	3.1748
FT	/*tag=
CDS	3

XX
XX
W09953072-A1

~~XX~~ 21-OCT-1999
PD

XX
PF 08-APR-1999: 99W0-11507639

XX 09-APR-1998: 98US-0081143

XX
XX
(DIFQ) DU PONT DE NEMOURS & CO E I.

XX
XX
PI
Cressman RF
Allen SM

XX
XX
WPT: 1999-620435/53

DR P-PSDB; MAY43629.

PT New starch RI phosphorylation protein homologies
XX

claim 2; Page 41-42; 34pp; English
XX

CC The protein is involved in starch degradation. The specification

also describes a chimeric gene encoding an or a portion of one starch phosphorylation protein, in the sense or antisense

production of altered levels of starch R1 phosphorylation protein

CC starch degradation in plants, and provides tools for the genetic
CC in transformed plants or cells. The protein facilitates recovery
CC

CC manipulation of stretch biosynchinesis in plants:
XX

sequence number, date, time, location

Query Match:	20.48;	Score 1032.0;	DB 20;	Length 2000
Best Local Similarity	74.98;	Pred. No. 6.5e-279;		

Matches 1306; Conservative 0, Mismatches 424; Anders 0, cups 1

[illegible]

DB 1 AATATAGTACTTCATTAGCTTGGTCTTGAAATCTCGCACCTTCACTGGATGACCAATG

2929 AAGATCTTCTTATCTGCTGGAAGATGATCAAGCTTTTCATCTCCATGCTGGAG 2988
 61 AAGATCTTATCTATCTGGAAGGATGGATGCTTCTTAAGCATCTGCAATTAAG 120
 2989 ACAACCATGGGCTTATTTGCAAAAGCTGTACTGACAGATCGCTTGCACCTGCA 3048
 121 ATACTCATTTGGGCTATTGAGGCAAAATGAGTCTTGACGAAACCCCTTGTACTACAA 180
 3049 GCAAGGACAGATGATGACATCACTATTGACGCAATCTGCGCAATATCTAGATCAATCC 3108
 181 ACAAGGCTATTTATACCGGAAATCTGCAACCATCGGCAAGATATCTTGATCACTGC 240
 3109 TTGGGCTGACCAATGGGCTTTGCAACATTTACTGAAATAATTTAGCTGCTGATCAG 3168
 241 TTGGGCTGCAAAATGGGCTGGGAAATATTTACTGAAATAATTTACGCTGCTGATCAG 3300
 3169 CAGCTTCATTTATCTCTCTCTTAAATAGCTGATCCGCTGCTGGAACCACTGCAATC 3228
 301 CTGCTTCTTCTTCTTCTTCTTAAATCGACTGATCTGCTGCTGGAAGACAGCTCATC 360
 3229 TAGAAGTTGGCAGATTTATCAGTCCAGTGAAGTGGTGGATATGTTGCTGTGATG 3288
 361 TTGGAAGCTGGCAGGTTATATACCCAGTTGAAAGCTTGATATGTTGAGGTACATAG 420
 3289 AGTGGCTTCACTGATGAGATCAATCTACAGAGAGCCAGATCTTACTAGCAAACTG 3348
 421 AGTGGCTTCTGCTGCAAAATCAATATGACGCTGCTCAATTTGATAGCAAGACTG 480
 3349 TTAAGGACAGGAAATCTCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 3408
 481 TTGAGGACAGGAAATCTCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 3408
 3409 ATGCTTCTGACATCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 3468
 541 AGTCTTATCCATGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTG 600
 3469 TTGATCCCATATATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 3528
 601 TTGATCCCATATATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 660
 3529 CTACAGCTTCAAGCAATCTATCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTG 3582
 661 CACATCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 720
 3583 CAAGTAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3642
 721 CAAGTAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 780
 3643 GTGGTTGTACCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3702
 781 GTGGTTGTACCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 840
 3703 GTAATATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3762
 841 GTAATATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 900
 3763 CTCTTCATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3822
 901 CCATACCATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 960
 3823 AAGAGTTGCAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3882
 961 AAGAGTTGCAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1020
 3883 TTGGGACAAAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3942
 1021 TTGGGACAAAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1080
 3943 ACATCAGAGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4002
 1081 AATATGAAGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1140
 4003 CATGATGCTCAAAAAAGTGTGGCTTCAAAATGCAATGACAGCATTAATCTACCA 4062

1141 CTGGATAGCTATAAAAAGGTGGGCTTAAGTGAATGAAGACATTAATCA 1200
 4063 CAAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 4122
 1201 CAAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1260
 4123 TAAATGCTGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGAT 4182
 1261 TAAATGCTGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGAT 1320
 4183 AAATATATGCTGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGAT 4242
 1321 AAATATATGCTGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGAT 1380
 4243 GTGCTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGAT 4302
 1381 GTGCTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGAT 1440
 4303 CAAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 4362
 1441 CTAGCAAACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1500
 4363 GGGAAAGATTTGAAAGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 4422
 1501 GTGAAAGATCTGAAAGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1560
 4423 AGGAAAGTGTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGATTTATGAT 4482
 1561 CCGAGAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1620
 4483 AGAGATCTG 4542
 1621 AGTCAATCTG 1680
 4543 CTCAAGATGATGAGGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4602
 1681 CTCAAGATGATGAGGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1740
 4603 AGATGT 4608
 1741 AATCT 1746

RESULT 10
 AAV44318
 ID AAV44318 standard; cDNA to mRNA; 2307 BP.
 AC AAV44318:
 XX 07-OCT-1998 (first entry)
 DE Maize starch-associated protein cDNA.
 XX
 KW Starch-associated protein; maize; starch grain; soluble;
 KW transgenic plant; ss.
 ZEA mays.
 FH key Location/Qualifiers
 FT CDS 33..1946
 FT /tag- a
 FT /product- "starch-associated protein"
 FT /note- "no start codon given"
 PN DE19653176-A1.
 PD 25-JUN-1998.
 XX 19-DEC-1996: 96DE-1053176.
 XX 19-DEC-1996: 96DE-1053176.
 XX